--(ii) recovering the multispecific antibody from the host cell culture.--

Please replace the paragraph beginning at page 17, line 16 with the following rewritten paragraph:

--Figs. 2A-2C. Fig. 2A diagrams a selection scheme for C_H3 heterodimer using phage display vector, pRA2. Phage displaying stable C_H3 heterodimers are captured using an antibody directed to the gD flag. Fig. 2B diagrams a dicistronic operon in which C_H3 expressed from a synthetic gene is co-secreted with a second copy of C_H3 expressed from the natural gene (Ellison et al. Nucleic Acids Res. 10:4071-4079 (1982)) as a fusion protein with M13 gene III protein. The synthetic C_H3 gene is preceded by a sequence encoding a peptide derived from herpes simplex virus glycoprotein D (gD flag, Lasky, L. A. and Dowbenko, D. J. (1984) DNA 3:23-29; Berman, P. W. et al., (1985) Science 227:1490-1492 and a cleavage (G) site for the site-specific protease, Genenase I (Carter, P. et al. (1989) Proteins: Structure, Function and Genetics 6:240-248). Fig. 2C is the nucleic acid sequence of the dicistronic operon (SEQ ID NO:13) of Fig. 2B in which the residues in the translated C_H3 genes are numbered according to the Eu system of Kabat et al. In Sequences of Proteins of Immunological Interest, 5th ed. vol. 1, pp. 688-696, N.H, Bethesda, MD (1991). Protuberance mutation T366W is shown, as are the residues targeted for randomization in the natural C_H3 gene (366, 368, and 407).--

Please replace the paragraph beginning at page 96, line 8 with the following rewritten paragraph:

--A large human single chain Fv (scFv) antibody library

ECD), IgE (murine IgE), IgE-R (human IgE receptor α-chain), MPL (human thrombopoietin receptor tyrosine kinase ECD), MusK (human muscle specific receptor tyrosine kinase ECD), NpoR (human orphan receptor NpoR ECD), Rse (human receptor tyrosine kinase, Rse, ECD), HER3 (human receptor tyrosine kinase HER3/c-erbB3 ECD), Ob-R (human leptin receptor ECD), and VEGF (human vascular endothelial growth factor) where ECD refers to the extracellular domain. The nucleotide sequence data for scFv fragments from populations of antibodies raised to each antigen was translated to derive corresponding protein sequences. The V_l sequences were then compared using the program "align" with the algorithm of Feng and Doolittle (1985, 1987, 1990) to calculate the percentage identity between all pairwise combinations of chains (Feng, D.F. and Doolittle, F.F. (1985) J. Mol. Evol. 21:112-123; Feng, D.F. and Doolittle, F.F. (1987) J. Mol. Evol. 25:351-360; and Feng, D.F. and Doolittle, F.F. (1990) Methods Enzymol. 183:375-387). The percent sequence identity results of each pairwise light chain amino acid sequence comparison were arranged in matrix format (Table 6.1-6.15).

On page 107, after line 29 and before line 30, insert Table 6.1-6.15:

TABLE 6.1

Label		Axl										GOSH											
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
ε	49	50	81	83	79	83	46	49	49	90	45	80	46	48	42	43	44	49	50	50	79	49
.25	-	98	48	52	47	52	70	77	71	49	68	47	68	72	57	58	59	71	97	98	47	71
.26		-	49	53	48	53	72	79	73	50	70	48	69	74	59	60	61	73	99	100	48	73
.27			-	82	83	83	48	49	46	85	45	84	44	48	42	42	44	46	49	49	98	48
.32				-	77	100	48	52	52	84	51	78	49	52	46	47	48	52	53	53	80	53
.35					-	78	48	48	47	85	47	99	44	47	42	42	43	47	48	48	81	49
.36						-	48	52	52	84	51	79	49	52	46	47	48	52	53	53	81	53
.47							-	72	64	49	61	48	60	66	57	57	58	64	71	72	47	69
.51								-	66	50	60	48	62	65	61	60	63	66	78	79	48	67
.75									-	48	85	47	95	90	59	58	61	100	72	73	45	94
.78										-	47	85	45	49	43	44	45	48	50	50	84	50
A..80											-	47	80	83	60	58	62	85	69	70	44	82
Axl.82												-	44	47	42	42	43	47	48	48	82	49
GCSFR.3.2E.A													-	87	57	56	58	95	68	69	43	90
GCSFR.3.2E.														-	60	60	62	90	73	74	47	90
GCSFR.3.2E.D															-	90	98	59	58	59	42	59
GCSFR.3.2E.G																-	91	58	59	60	42	58
GCSFR.3.3E.C																	-	61	60	61	43	61
GCSFR.A2																		-	72	94	94	94
GCSFR.A4																			-	73	72	72
GCSFR.A5																				-	48	73
GCSFR.A3																					-	47
GCSFR.F7																						-
GCSFR.G3																						
.E.D8																						
.E.G2																						
.ER.1A12																						
.ER.1D11																						
.ER.1E10																						
.ER.MAT2C																						
M.pl.01																						
M.pl.02																						
M.pl.03																						
M.pl.04																						
M.pl.05																						
M.pl.06																						
M.pl.07																						
M.pl.08																						
M.pl.11																						
M.pl.12																						
M.pl.14																						

TABLE 6.2

Mpl.16
Mpl.19
Mpl.21
Mpl.24
Mpl.26
Mpl.28
Mpl.29
Mpl.30
Mpl.31
Mpl.32
Mpl.33
Mpl.35
MusK.01
MusK.02
MusK.06
NpoR.25
NpoR.44
NpoR.53
NpoR.81
NpoR.86
Rse.01
Rse.02
Rse.03
Rse.04
Rse.07
Rse.08
Rse.15
Rse.16
Rse.18
Rse.20
Rse.21
Rse.22
Rse.23
Rse.24
Rse.52
Rse.53
Rse.58
Rse.60
Rse.61
Rse.63
her3.1
her3.10

TABLE 6.3

Table header axis label: **MPL** (columns) / **kEn** (rows)

	51	50	49	48	47	46	45	44	43	42	41	40	39	38	37	36	35	34	33	32	31	30	9
	47	47	46	45	43	80	50	80	80	49	81	81	78	79	49	51	100	50	79	46	44	46	49
	63	69	73	72	65	48	70	48	47	68	48	48	43	48	68	76	50	66	47	57	57	58	1
	65	70	75	74	66	49	72	49	48	70	49	49	44	49	70	77	50	68	48	59	59	60	3
	44	47	47	46	45	99	47	83	84	45	100	100	80	83	46	50	81	48	83	45	87	46	6
	51	50	49	48	49	82	53	78	78	51	82	82	76	78	52	55	83	53	78	48	97	48	52
	46	45	47	43	43	82	48	99	99	46	82	83	95	94	47	48	79	47	98	44	88	45	47
	50	49	49	47	47	83	53	78	79	51	82	83	75	78	64	53	83	53	78	44	57	50	52
	60	76	80	80	73	48	63	49	48	65	48	48	44	47	68	74	47	62	48	49	55	57	64
	61	72	75	74	68	49	65	49	48	68	49	48	44	48	84	78	50	64	48	56	58	62	56
	79	65	66	65	61	46	97	48	47	83	46	49	43	48	70	66	50	79	47	61	57	60	00
	47	49	48	47	45	85	49	86	85	47	86	85	84	83	48	52	90	49	85	59	45	47	48
	72	64	62	61	60	45	85	48	47	75	45	45	43	47	75	62	46	74	47	47	56	61	35
	46	45	47	43	43	83	48	48	47	46	45	45	43	47	48	48	80	47	47	44	43	45	47
	74	61	61	57	57	44	92	44	44	79	44	44	41	45	79	63	47	75	44	62	54	57	95
	74	65	65	62	62	48	89	48	47	79	48	48	43	48	79	67	49	76	47	60	58	61	90
	55	59	58	57	52	42	59	42	42	60	42	42	38	42	57	65	43	71	42	59	87	97	59
	52	57	58	57	51	42	58	44	42	57	42	42	38	42	55	64	44	66	42	91	97	90	58
	57	61	60	59	54	44	61	48	43	59	44	44	40	44	59	67	45	72	43	100	88	99	61
	79	65	66	65	61	46	97	49	47	83	46	46	43	48	84	66	50	79	47	59	57	60	100
	65	70	73	74	66	49	71	49	48	69	49	49	44	49	70	77	50	68	48	59	60	60	72
	65	70	74	75	66	44	72	49	48	70	49	49	44	49	70	77	50	68	44	59	59	60	73
	43	46	46	45	44	97	46	81	82	44	97	98	78	81	45	49	79	47	81	44	41	47	45
	73	68	70	70	64	48	93	50	49	79	48	48	45	50	78	67	50	74	49	44	57	60	94
	57	61	60	59	54	44	61	44	43	59	44	44	40	44	59	67	50	72	43	59	45	60	61
	46	45	47	46	43	83	48	44	43	46	44	44	40	45	47	48	80	47	44	43	57	47	47
	57	61	60	59	54	44	61	42	43	56	40	42	39	43	59	63	44	67	43	44	88	45	61
	99	61	60	60	58	46	78	44	47	60	44	45	42	44	60	68	46	79	44	100	43	99	47
	56	60	66	58	53	44	60	100	47	46	83	83	95	94	47	48	80	47	98	44	88	45	61
	7	65	65	59	61	46	97	48	47	80	48	48	43	47	82	75	50	47	47	99	-	99	80
	57	60	66	58	55	46	60	49	45	61	46	50	46	-	50	51	-	-	-	88	87	60	60
	52	55	59	56	51	42	57	48	43	56	46	46	43	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	58	60	58	57	55	45	59	44	44	60	44	43	42	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	46	45	47	46	43	82	48	100	44	46	46	45	42	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	84	66	63	62	64	48	76	48	47	80	83	83	94	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	47	48	47	46	43	48	50	49	47	46	48	48	43	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	64	75	73	72	74	46	65	48	47	69	50	50	46	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	93	64	64	63	62	82	81	96	95	97	46	46	43	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	45	47	47	46	42	79	49	98	96	83	83	83	91	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	46	43	43	42	40	44	44	98	84	42	81	80	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	44	47	47	46	45	99	47	83	45	45	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

TABLE 6.4

45	48	47	46	47	98	47	83	83	45	–
92	64	64	63	61	45	80	47	46	–	
46	45	47	46	43	83	48	100	–		
48	47	48	47	44	82	49	–			
76	68	65	64	64	47	–				
44	47	47	46	45	–					
57	93	74	74	–						
57	77	99	–							
58	78	–								
60	–									
–										

TABLE 6.5

TABLE 6.6

7	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79
.4	45	45	80	46	46	46	48	72	81	49	46	47	47	45	81	49	81	51	49	44	46	100
9	46	45	47	73	73	71	70	42	48	71	69	71	70	70	48	71	47	83	94	59	73	49
1	47	46	48	75	75	73	72	43	49	73	71	73	71	72	49	73	48	85	96	61	75	50
.4	48	46	84	47	47	46	45	88	100	46	43	47	44	45	100	46	99	49	49	44	47	81
8	48	47	78	49	49	51	51	80	82	52	48	52	50	50	82	52	82	55	52	48	49	83
8	46	44	99	47	47	47	46	73	83	47	43	48	45	46	83	47	82	49	48	43	47	79
3	48	46	79	49	49	51	51	74	83	52	48	52	50	50	83	52	82	55	52	48	49	83
8	44	44	48	80	80	65	63	41	48	64	60	67	62	64	48	64	47	68	76	58	80	46
8	46	46	48	75	75	66	65	42	49	66	61	66	64	65	49	66	48	74	75	63	75	49
3	48	44	47	66	66	89	99	41	46	100	95	90	98	88	46	100	45	83	73	61	66	49
1	46	48	85	48	48	47	47	77	85	48	45	48	46	46	85	48	85	51	50	45	48	45
5	45	47	47	62	62	80	84	40	45	85	84	81	83	79	45	85	44	77	70	62	62	90
2	46	44	100	47	47	47	46	74	84	47	43	48	45	46	84	47	83	49	48	43	47	80
3	46	45	44	61	61	84	94	40	44	95	90	86	93	86	44	95	43	78	69	58	61	45
8	50	49	47	65	65	88	89	42	48	90	86	89	88	88	48	90	47	89	76	62	65	48
2	47	46	42	57	58	58	58	38	42	59	52	59	57	57	42	59	42	62	57	98	58	42
8	48	49	42	57	58	57	57	38	42	58	52	58	57	57	42	58	42	62	58	91	58	43
0	49	48	43	59	60	60	60	40	44	61	54	61	59	59	44	61	43	64	59	100	60	44
1	48	47	47	66	66	89	99	41	46	100	95	90	98	88	46	100	45	83	73	61	66	49
0	49	45	43	59	60	72	71	43	49	72	71	72	70	72	49	72	48	84	95	60	74	50
1	48	44	48	47	47	73	72	43	49	73	71	73	71	72	49	73	48	85	96	61	75	50
0	49	46	99	60	60	45	44	86	98	45	42	46	43	44	98	45	97	48	48	43	46	79
0	49	46	47	47	59	89	93	43	48	94	89	90	92	88	48	94	47	83	77	61	70	49
1	48	44	80	60	47	60	60	40	44	61	54	61	59	59	44	61	43	64	59	100	60	44
0	46	47	95	59	60	60	46	74	84	47	43	48	45	46	84	47	83	41	57	88	47	44
0	49	48	43	58	59	59	58	36	45	59	54	59	57	58	45	59	45	62	57	100	60	46
1	47	45	48	47	47	56	46	41	44	47	43	48	45	46	83	47	82	49	48	43	57	44
3	46	43	47	63	63	73	78	74	46	79	78	74	77	73	46	81	82	71	68	72	63	46
2	48	45	95	47	73	65	49	42	50	50	46	48	48	65	50	50	47	51	50	45	47	79
5	47	43	96	43	64	75	65	72	46	66	64	66	64	74	46	66	45	75	74	67	73	50
7	46	45	84	47	47	48	83	80	83	84	83	76	82	47	80	84	82	72	70	59	64	100
9	47	43	43	43	47	46	47	41	80	48	43	49	46	44	83	48	80	50	49	44	47	51
0	46	45	48	47	47	46	45	74	100	43	43	44	43	45	100	43	99	45	44	40	43	49
3	48	46	84	47	47	46	45	88	100	46	43	47	44	45	100	46	99	49	49	44	47	81

Mass	55	54	53	52
	55	79	80	79
	81	47	47	47
	48	48	48	48
	49	83	84	83
	100	77	78	78
	82	98	99	98
	83	78	79	78
	83	48	48	48
	48	48	48	48
	49	47	47	47
	46	85	85	85
	85	47		45
	45	99		84
	84	44		
	44	47		
	48	41		
	42	41		
	42	42		
	44	47		
	46	48		
	49	48		
	49	81		
	98	49		
	48	42		
	44	98		
	84	42		
	44	48		
	46	42		
	44	47		
	46	44		
	46	42		
	42	43		
	45	98		
	83	47		
	43	79		
	81	48		
	50	47		
	45	94		
	83	95		
	80	83		
	100			

TABLE 6.7

TABLE 6.8

TABLE 6.9

	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	101	102	103	104	105	106	107
	Her3															**ObR**						
5	80	48	85	46	44	85	46	79	82	48	46	79	100	100	100	79	80	100	46	50	78	80
7	47	74	51	73	59	51	73	47	49	75	73	47	49	49	49	47	47	49	73	98	46	47
5	48	76	52	75	61	52	75	48	50	77	75	48	50	50	50	48	48	50	75	100	47	48
7	84	46	85	47	44	85	47	84	83	45	47	83	81	81	81	83	83	81	47	49	82	84
5	78	50	83	49	48	83	49	78	83	51	49	78	83	83	83	77	78	83	49	53	76	78
1	99	46	85	47	43	85	47	98	94	45	47	98	79	79	79	97	98	79	47	48	96	99
7	79	49	84	49	48	84	49	79	84	50	49	79	83	83	83	78	79	83	49	53	77	79
1	48	70	49	80	58	49	80	48	48	66	80	49	46	46	46	48	48	46	80	72	47	48
1	48	86	50	75	63	50	75	48	50	67	75	48	49	49	49	47	48	49	75	79	47	48
3	47	62	49	66	61	49	66	47	49	92	66	47	49	49	90	47	47	49	66	73	46	47
0	85	49	95	48	45	95	48	86	84	47	48	85	90	90	90	84	85	90	48	50	84	85
7	47	61	47	62	62	47	62	47	49	81	62	47	45	45	45	46	47	45	62	70	46	47
3	100	46	86	47	43	86	47	99	95	45	47	99	80	80	80	98	99	80	47	48	97	100
7	44	59	46	61	58	46	61	44	46	88	61	44	46	46	46	44	44	46	61	69	43	44
5	47	62	49	65	62	49	65	47	48	84	65	48	48	48	48	47	47	48	65	74	46	47
8	42	60	43	58	98	43	58	42	42	61	58	42	42	42	42	42	42	42	58	59	41	42
6	42	59	44	58	91	44	58	42	42	60	58	42	43	43	43	42	42	43	58	60	41	42
0	43	61	45	60	100	45	60	43	44	63	60	43	44	44	44	43	43	44	60	61	42	43
0	47	62	49	66	61	49	66	47	49	92	66	47	49	49	49	47	47	49	66	73	46	47
6	48	75	52	74	60	52	74	48	50	76	74	48	50	50	50	48	48	50	74	99	47	48
7	48	76	52	75	61	52	75	48	50	77	75	48	50	50	50	48	48	50	75	100	47	48
4	82	45	83	46	43	83	46	82	81	44	46	81	79	79	79	81	81	79	46	48	80	82
0	49	63	51	70	61	51	70	49	50	87	70	49	49	49	49	49	49	49	70	73	48	49
7	43	60	45	60	100	45	60	43	44	63	60	43	44	44	44	43	43	44	60	61	42	43
6	99	59	86	47	43	86	47	98	94	45	47	98	80	80	80	97	98	80	47	48	97	99
0	43	61	45	60	43	45	60	43	44	63	60	43	44	44	44	43	43	44	60	61	42	43
6	48	60	49	60	72	49	60	48	49	78	60	48	48	48	48	48	48	48	60	68	47	48
6	43	60	45	59	45	45	59	43	44	62	59	43	44	44	49	43	43	44	59	60	42	43
7	47	62	49	66	67	49	66	47	49	92	66	47	49	49	49	47	47	49	66	73	46	47
4	84	45	85	47	44	85	47	82	81	44	46	81	79	79	79	81	81	79	50	60	42	48
59	59	60	47	59	59	47	60	45	46	62	59	45	46	46	46	45	45	46	59	60	44	45
54	54	57	46	57	57	46	57	43	44	59	57	43	44	44	44	43	43	44	57	59	43	43
58	58	60	46	58	58	46	58	44	45	62	58	44	46	46	46	44	44	46	58	59	44	44
47	47	46	85	47	43	85	47	98	94	45	47	98	79	79	79	97	98	79	47	48	96	99
84	84	62	49	63	72	49	63	47	49	81	63	47	50	50	50	47	47	50	63	68	46	47
48	48	49	85	47	45	85	47	79	82	49	47	79	100	100	100	79	80	100	50	77	78	80
64	64	78	51	73	67	51	73	48	50	69	64	48	49	49	51	48	48	51	73	70	47	48
93	93	63	49	64	59	49	64	47	49	81	64	47	49	49	49	47	47	49	64	49	46	47
47	47	46	84	47	44	84	47	94	94	46	47	94	79	79	79	93	94	79	47	44	92	95
43	43	44	83	43	40	83	43	95	91	42	43	95	78	78	78	94	95	78	43	44	93	96
45	45	46	85	47	44	85	47	84	83	45	47	83	81	81	81	83	83	81	47	49	82	84

TABLE 6.10

83	46	100	100	48	83	43	46	47	45	46	99	100	84	77	43	46	44	97	47	47	47	46	74	84	47	43	48	45	46	84	47	83	49	48	47	42	47	80	46	84	80
81	45	97	97	47	81	42	45	46	44	45	96	97	96	82	75	42	45	43	97	46	46	46	45	72	82	46	42	47	44	45	82	46	81	48	47	42	46	78	45	82	78
49	70	48	49	72	49	66	74	75	70	65	48	48	48	49	51	61	47	46	48	75	75	73	72	43	49	73	71	73	71	72	49	73	48	85	96	61	75	50	74	49	50
47	64	47	48	65	47	74	99	100	78	58	47	47	47	47	49	60	47	46	47	100	100	67	65	42	47	66	60	68	64	66	47	66	46	67	79	60	100	46	99	47	46
81	49	80	80	50	80	43	45	46	47	47	79	80	79	81	81	44	45	45	80	46	46	46	48	72	81	49	46	47	47	45	81	49	81	51	49	44	46	100	45	81	100
82	46	99	99	48	82	43	46	47	45	46	98	99	98	83	77	43	46	44	99	47	47	47	46	73	83	47	43	48	45	46	83	47	82	49	48	43	47	80	46	83	80
82	46	98	98	48	82	43	46	47	45	46	97	98	97	83	77	43	47	45	98	47	47	47	46	73	83	47	43	48	45	46	83	47	82	49	48	43	47	79	46	83	79
81	49	80	80	50	80	43	45	46	47	47	79	80	79	81	81	44	45	45	80	46	46	46	48	72	81	49	46	47	47	45	81	49	81	51	49	44	46	100	45	81	100
81	49	80	80	50	80	43	45	46	47	47	79	80	79	81	81	44	45	45	80	46	46	46	48	72	81	49	46	47	47	45	81	49	81	51	49	44	46	100	45	81	100
81	49	80	80	50	80	43	45	46	47	47	79	80	79	81	81	44	45	45	80	46	46	46	48	72	81	49	46	47	47	45	81	49	81	51	49	44	46	100	45	81	100
82	46	99	99	48	82	43	46	47	45	46	98	99	98	83	76	43	46	44	99	47	47	47	46	74	83	47	43	48	45	46	83	47	82	50	48	43	47	79	46	83	79
47	64	47	48	65	47	74	99	100	78	58	47	47	47	47	49	60	47	46	47	100	100	67	65	42	47	66	60	68	64	66	47	66	46	67	79	60	100	46	99	47	46
46	80	45	47	90	45	63	71	72	65	77	45	45	45	45	48	63	45	45	45	72	72	82	91	41	45	92	91	83	90	81	45	92	46	67	79	63	72	48	71	45	48
82	48	95	95	50	82	45	47	48	47	47	94	95	94	83	79	44	46	44	95	48	48	48	47	73	83	49	45	49	47	47	83	49	82	51	49	44	48	79	47	82	79
83	46	99	99	48	83	43	46	47	45	46	98	99	98	84	77	43	46	44	99	47	47	47	46	74	84	47	43	48	45	46	84	47	83	49	48	43	47	79	46	84	79
47	64	47	48	65	47	74	99	100	78	58	47	47	47	47	49	60	47	46	47	100	100	67	65	42	47	66	60	68	64	66	47	66	46	67	79	60	100	46	99	47	46
84	48	86	86	50	84	44	49	50	46	47	85	86	85	85	80	45	48	46	86	50	50	48	48	75	85	49	45	49	47	47	85	49	84	51	52	45	50	85	49	85	
44	62	43	44	61	44	54	59	60	61	57	42	43	42	44	46	100	49	48	43	59	60	60	60	40	44	61	54	61	59	59	47	44	43	64	59	59	100	60	59	44	44
47	64	47	48	65	47	74	99	100	78	58	47	47	47	47	49	60	47	46	47	100	100	67	65	42	47	66	60	68	64	66	47	66	46	67	79	60	100	46	99	47	46
84	48	86	86	50	84	44	49	50	46	47	85	86	85	85	80	45	48	46	86	50	50	48	48	75	85	49	45	49	47	47	85	49	84	51	52	45	50	85	49	85	85
47	63	46	48	61	46	68	75	76	74	58	46	46	46	46	46	61	44	45	46	76	76	62	61	41	46	62	58	62	60	62	46	62	46	71	72	61	76	48	75	46	48
83	46	100	100	48	83	43	46	47	45	46	99	100	99	84	77	43	46	44	100	47	47	47	46	74	84	47	43	48	45	46	84	47	83	49	48	43	47	80	46	84	80

TABLE 6.11

TABLE 6.12

	35	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	101	102	103	104	105	106	107
	86	47	100	50	45	100	50	87	85	85	49	50	85	85	85	35	85	86	85	50	52	85	86
	49	78	53	80	65	53	80	49	51	51	82	80	49	51	51	51	49	49	51	80	94	48	49
	47	59	48	60	60	48	60	47	48	48	77	60	47	47	47	47	47	47	47	60	67	46	47
	-	46	86	47	43	86	47	99	95	98	45	47	99	98	85	80	98	99	80	47	48	97	100
	46	-	47	76	61	47	76	46	48	48	65	76	46	45	48	48	46	46	48	76	76	45	46
	-	47	-	50	45	100	50	87	85	85	49	50	85	85	85	85	85	86	85	50	52	85	86
	47	-	47	100	60	50	100	47	48	46	72	50	47	47	46	46	46	47	46	60	75	46	47
	-	43	-	60	50	-	60	43	44	44	63	60	43	43	44	44	43	43	44	60	61	42	43
	85	86	85	50	-	87	50	87	85	85	49	50	85	85	85	85	85	86	85	50	52	85	86
	47	-	47	100	-	47	100	47	48	46	72	50	47	47	46	46	47	47	48	60	75	46	47
	47	-	47	80	79	100	79	-	47	48	45	47	79	98	79	79	97	98	79	47	48	96	99
	46	46	47	80	82	100	80	-	48	46	47	48	82	94	82	82	93	94	82	48	50	92	95
	46	79	46	100	48	-	48	-	48	45	45	72	48	45	48	48	45	45	48	77	-	44	45
	79	79	79	47	46	-	46	-	46	47	47	75	46	47	46	46	47	47	46	75	-	46	47
	100	97	80	46	46	-	79	-	79	97	-	100	79	98	79	79	97	98	79	48	-	96	99
	80	-	100	46	50	-	46	-	80	80	-	48	100	80	100	100	80	80	100	46	-	78	80
	80	-	100	46	48	-	46	-	80	80	-	50	100	80	100	100	80	80	100	46	-	78	80
	80	-	80	47	50	-	48	-	47	-	-	50	80	80	-	100	80	80	100	46	-	78	80
	98	-	99	47	48	-	48	-	46	79	-	48	97	99	79	79	79	97	79	47	-	95	98
	99	-	80	46	50	-	-	-	-	80	-	72	-	80	100	100	80	80	80	47	-	96	99
	80	-	47	50	75	-	-	-	-	-	-	-	-	47	-	-	-	80	80	46	-	78	80
	47	-	48	75	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	97	-	50	-	46	47
	-	-	97	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	75	-	47	48
	Her3															CbR							

TABLE 6.13

		VEGF										Clone
108	109	110	111	112	113	114	115	116	117		
44	46	85	84	84	44	48	46	83	85	40	Mpl.14
40	43	83	96	96	40	44	43	83	83	39	Mpl.12
44	48	84	95	95	44	46	48	84	84	38	Mpl.11
59	83	49	47	47	59	65	84	50	49	37	Mpl.08
67	66	51	48	47	66	76	66	54	51	36	Mpl.07
45	50	85	80	80	45	49	50	85	85	35	Mpl.06
72	78	49	47	47	72	67	79	50	49	34	Mpl.05
43	47	85	85	85	43	46	47	85	85	33	Mpl.04
100	58	46	44	44	99	60	59	46	46	32	Mpl.03
88	56	46	43	43	87	55	57	45	46	31	Mpl.02
99	59	47	45	45	98	60	60	46	47	30	Mpl.01
61	99	49	47	47	61	66	100	50	49	29	IgER.MAT2C1G11
99	59	45	43	43	98	60	60	46	45	28	IgER.1E10
61	80	49	48	48	61	62	80	50	49	27	IgER.1D11
100	60	45	43	43	99	61	61	46	45	26	IgER.1A12
43	47	86	99	99	43	46	47	85	86	25	IgE.G2
100	60	45	43	43	99	61	61	46	45	24	IgE.D8
61	94	51	49	49	61	69	94	52	51	23	GCSFR.G3
43	45	83	82	82	43	47	45	81	83	22	GCSFR.F7
61	72	52	48	48	60	71	73	53	52	21	GCSFR.A8
60	71	52	48	48	59	70	72	53	52	20	GCSFR.A5
61	99	49	47	47	61	66	100	50	49	19	GCSFR.A4
100	60	45	43	43	99	61	61	46	45	18	GCSFR.A2
91	57	44	42	42	90	57	58	45	44	17	GCSFR.3.3E.C4
98	58	43	42	42	97	59	59	44	43	16	GCSFR.3.2E.G5
62	89	49	47	47	62	66	90	50	49	15	GCSFR.3.2E.D6
58	94	46	44	44	58	62	95	47	46	14	GCSFR.3.2E.D5
43	47	86	100	100	43	46	47	85	86	13	GCSFR.3.2E.A1
62	84	47	47	47	62	65	85	48	47	12	Axl.82
45	48	95	85	85	45	50	48	95	95	11	Axl.80
61	99	49	47	47	61	66	100	50	49	10	Axl.78
63	66	50	48	48	62	72	66	51	50	9	Axl.75
58	64	49	48	48	58	77	64	50	49	8	Axl.51
48	52	84	79	79	48	50	52	83	84	7	Axl.47
43	47	85	99	99	43	46	47	84	85	6	Axl.36
48	52	83	78	78	48	51	52	83	83	5	Axl.35
44	46	85	84	84	44	48	46	83	85	4	Axl.32
61	72	52	48	48	60	71	73	53	52	3	Axl.27
59	70	51	47	47	58	70	71	52	51	2	Axl.26
44	49	85	80	80	44	48	49	85	85	1	Axl.25

TABLE 6.14

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	ID
Mpl.16	44	46	84	83	83	44	49	49	84	41
Mpl.19	62	82	48	46	46	62	65	49	48	42
Mpl.21	43	47	86	100	100	43	46	47	86	43
Mpl.24	44	48	86	100	100	44	48	48	85	44
Mpl.26	61	96	50	48	48	61	69	51	50	45
Mpl.28	44	46	84	83	83	44	48	46	82	46
Mpl.29	54	61	44	43	43	54	94	61	47	47
Mpl.30	59	65	49	46	46	59	78	65	49	48
Mpl.31	60	66	50	47	47	60	79	66	50	49
Mpl.32	61	65	46	45	45	61	99	65	48	50
Mpl.33	57	78	47	46	46	57	60	49	46	51
Mpl.35	42	47	85	99	99	42	46	47	84	52
MusK.01	43	47	86	100	100	43	47	47	85	53
MusK.02	42	47	85	99	99	42	46	47	84	54
MusK.06	44	46	85	84	84	44	48	46	83	55
NpoR.25	46	49	80	77	77	46	50	49	78	56
NpoR.44	100	60	45	43	43	99	61	46	45	57
NpoR.53	49	48	48	46	46	49	45	49	48	58
NpoR.81	48	47	46	44	44	48	46	47	48	59
NpoR.86	43	47	86	100	100	43	46	47	85	60
Rse.01	59	66	50	47	47	59	78	66	51	61
Rse.02	60	66	50	47	47	60	79	66	51	62
Rse.03	60	88	48	47	47	60	65	49	48	63
Rse.04	60	98	48	46	46	60	65	49	48	64
Rse.07	40	41	75	74	74	40	44	41	80	65
Rse.08	44	46	85	84	84	44	48	46	83	66
Rse.15	61	99	49	47	47	61	66	50	49	67
Rse.16	54	94	45	43	43	54	62	46	45	68
Rse.18	61	90	49	48	48	61	66	49	49	69
Rse.20	59	97	47	45	45	59	64	48	47	70
Rse.21	59	88	47	46	46	59	65	48	47	71
Rse.22	44	46	85	84	84	44	48	46	83	72
Rse.23	61	99	49	47	47	61	66	49	50	73
Rse.24	43	45	84	83	83	43	48	45	84	74
Rse.52	64	82	51	49	49	63	70	52	51	75
Rse.53	59	72	52	48	48	59	73	53	52	76
Rse.58	100	60	45	43	43	99	61	46	50	77
Rse.60	60	66	50	47	47	60	79	66	51	78
Rse.61	44	49	85	80	80	44	48	49	85	79
Rse.63	59	65	49	46	46	59	78	65	50	80
her3.1	44	46	85	84	84	44	48	46	83	81
her3.10	44	49	85	80	80	44	48	49	85	82

TABLE 6.15

Clone	#	113	114	115	116	117
her3.11	83	45	47	49	99	100
her3.12	84	44	73	76	54	53
her3.16	85	60	61	80	49	48
her3.18	86	43	46	47	85	86
her3.19	87	60	75	62	49	47
her3.22	88	45	47	49	99	100
her3.3	89	60	79	66	51	50
her3.4	90	99	61	61	46	45
her3.7	91	45	47	49	99	100
obr.1	92	60	79	66	51	50
obr.11	93	43	46	47	86	87
obr.12	94	44	48	49	83	85
obr.14	95	63	66	92	51	49
obr.15	96	60	79	66	51	50
obr.16	97	43	46	47	84	85
obr.17	98	44	48	49	85	85
obr.18	99	44	48	49	85	85
obr.19	100	44	48	49	85	85
obr.2	101	43	46	47	83	85
obr.20	102	43	46	47	85	86
obr.21	103	44	48	49	85	85
obr.22	104	60	79	66	51	50
obr.23	105	60	71	73	53	52
obr.24	106	42	45	46	83	85
obr.26	107	43	46	47	85	86
obr.3	108	99	61	61	46	45
obr.4	109	60	66	99	50	49
vegf.1	110	45	47	49	99	100
vegf.10	111	43	46	47	85	86
vegf.2	112	43	46	47	85	86
vegf.3	113	-	61	61	46	45
vegf.4	114	61	-	66	49	47
vegf.5	115		66	-	50	49
vegf.6	116				-	99
vegf.8	117				99	-
Clone		113	114	115	116	117

EGF